



KEMENTERIAN RISET, TEKNOLOGI DAN PENDIDIKAN TINGGI
UNIVERSITAS SYIAH KUALA
UPT. PERPUSTAKAAN

Jalan T. Nyak Arief, Kampus UNSYIAH, Darussalam – Banda Aceh, Tlp. (0651) 8012380, Kode Pos 23111
Home Page : <http://library.unsyiah.ac.id> Email: helpdesk.lib@unsyiah.ac.id

ELECTRONIC THESIS AND DISSERTATION UNSYIAH

TITLE

PERANCANGAN APLIKASI ANALISIS BARCODING GAP GEN MATK DAN RBCL DARI TUMBUHAN MONOKOTIL DAN DIKOTIL

ABSTRACT

Sains dan teknologi merupakan dua hal yang tidak dapat dipisahkan. Teknologi hadir untuk memudahkan proses pengambilan kesimpulan sains serta meringankan kinerja manusia. Dalam bidang sains, identifikasi makhluk hidup merupakan salah satu hal penting. Gen merupakan objek yang digunakan untuk melakukan identifikasi terhadap suatu kelompok makhluk hidup. Gen terbaik untuk mengidentifikasi kelompok makhluk hidup disebut sebagai DNA barcode. Salah satu langkah untuk menguji kelayakan dari suatu barcode adalah dengan melakukan analisis barcoding gap. Analisis barcoding gap diuji dengan menghitung selisih yang terdapat diantara dua karakteristik yaitu nilai minimum interspecific distance dan maksimum intraspecific difference. Sebagai wujud dari penggabungan ilmu teknologi dan sains, penelitian ini bertujuan untuk merancang sebuah aplikasi yang dapat memberikan kemudahan dalam melakukan analisis barcoding gap dan digunakan dengan memasukkan nilai kedua karakteristik tersebut. Aplikasi ini merupakan perpaduan antara pemrograman HTML (Hypertext Markup Language), CSS (Cascading Style Sheets), dan Javascript yang digunakan sebagai front-end, PHP (Hypertext Preprocessor) sebagai back-end dari aplikasi dan software R yang digunakan untuk kebutuhan analisis. Kelompok tumbuhan yang digunakan sebagai bahan penelitian adalah tumbuhan dikotil dan monokotil. Hasil analisis pada aplikasi ini ditampilkan dalam bentuk grafik. Grafik yang dihasilkan dapat dijadikan sebagai informasi baru yang akan diolah untuk menentukan nilai gap yang terbentuk di antara kurva. Setelah dilakukan analisis lebih lanjut, terdapat tumpang tindih (overlap) di antara kedua kurva yang terbentuk, dimana semakin kecil nilai overlap maka semakin baik hasil dari sebuah identifikasi. Hasil analisis membuktikan bahwa gen matK lebih layak dijadikan sebagai DNA barcode bagi tumbuhan dikotil dan monokotil karena memiliki nilai overlap yang lebih kecil jika dibanding dengan gen rbcL.

Kata Kunci : Barcoding Gap, Interspecific Difference, Intraspecific Distance, Overlap, Software R